

Таблица. МикроРНК, уровни экспрессии которых имеют прогностическую значимость при острых лейкозах у детей.

При ОЛЛ		При ОМЛ	
МикроРНК, гиперэкспрессия которых связана с благоприятным прогнозом	МикроРНК, гиперэкспрессия которых связана с неблагоприятным прогнозом	МикроРНК, гиперэкспрессия которых связана с благоприятным прогнозом	МикроРНК, гиперэкспрессия которых связана с неблагоприятным прогнозом
miR-221	miR-181a, miR-181c, miR-146a.	miR-10a, miR-10b, miR-152, miR-196a, miR-196b*, miR-29a, miR-29b*, miR-148a, miR-25, miR-181a, miR-181b.	miR-10a, miR-10b, miR-152, miR-196a, miR-196b*, miR-29a, miR-29b*, miR-148a, miR-25, miR-181a, miR-181b.

*- мнение относительно этих микроРНК неоднозначно, опубликованы как данные о благоприятном прогнозе при их гиперэкспрессии, так и альтернативные данные о неблагоприятном прогнозе.

В ходе работы был произведен обзор литературы по данной теме. Были описаны изменения профиля микроРНК при остром лимфобластном и остром миелобластном лейкозах у детей, а также при острых лейкозах у детей первого года жизни.

Библиографический список

1. Коколина В. Ф., Румянцев А. Г. Практическое руководство по детским болезням: продолжающееся издание. Т. 4: Гематология/онкология детского возраста .М.: Медпрактика, 2004. 792 с.
2. Lawrie Ch. H. MicroRNAs and haematology: small molecules, big function // British Journal of Haematology. 2007. № 137. P. 503-512.
3. Buckingham L., Flaws M.L. Molecular Diagnostic: Fundamentals, Methods, & Clinical Applications Philadelphia: F.A. Davis Company, 2007. 462 p.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГРИБОВ РОДА *TRICHODERMA*, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН

М.И. Иманбаева, Г.М. Макимова

Республиканская коллекция микроорганизмов, Астана. E-mail: lgene@biocenter.kz

Представителей рода *Trichoderma* можно встретить практически во всех почвах. Они имеют большое хозяйственное значение, так как широко

используются для получения ферментов и биологически активных веществ, в борьбе с болезнями сельскохозяйственных культур. Также, виды *Trichoderma* способны вызывать заболевания у людей с ослабленным иммунитетом. В связи с этим точная идентификация видов этого рода важна как для специалистов, так и для изучения распространения этих грибов в природе (Samuels, 1996). Целью исследований было изучить видовой состав грибов рода *Trichoderma*, распространённых в разных регионах Казахстана, установить их таксономическое положение и внутривидовое разнообразие.

Для получения наиболее объективного представления о распространении грибов рода *Trichoderma* нами были исследованы штаммы, выделенные из различных регионов Казахстана. Выделение микромицетов осуществляли на плотные питательные среды методом серийных разведений. Идентификация *Trichoderma* по морфологическим признакам проводилась по ключу Александровой (2006). Экстракцию ДНК для ПЦР проводили *Extraction Buffer Method* (Chow, Kaffer, 2003) с некоторыми модификациями. Детекция результатов выполнялась с помощью гель-электрофореза. Для характеристики молекулярно-генетических свойств исследованных штаммов анализировали внутренние спейсерные регионы рибосомальной ДНК – ITS 1, 5,8S, ITS 2. Полимеразно-цепную реакцию проводили с праймерами ITS 1 и 4 (White et al., 1990). ПЦР амплификацию осуществляли с использованием следующих параметров: 95 °C 5 минут – 1 цикл; (95 °C 30 сек., 55 °C 30 сек.; 72 °C 1 мин.) – 35 циклов; 72 °C 7 мин. – 1 цикл. Очищенные фрагменты переамплифицировали, используя реактивы BigDye Terminator v.1.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, США).

Всего нами было выделено 97 штаммов грибов *Trichoderma*. В результате секвенирования ITS областей были прочтены последовательности длиной около 650 пар нуклеотидов. Процесс секвенирования ITS – зон и анализ полученных данных с использованием программного обеспечения SeqScanner, Vector NTI Advands 10 и базы данных GenBank позволил определить с вероятностью 98-100 % видовую принадлежность штаммов, выделенных в 2009 и 2010 годах на территории Казахстана. Всего было идентифицировано 8 видов рода *Trichoderma*, относящихся к трем различным секциям – *Trichoderma*, *Longibrachiatum*, *Pachybasium*. Видовое разнообразие рода *Trichoderma* было представлено следующими видами: *T. viride*, *T. atroviride*, *T. harzianum* / *T. inhamatum*, *T. asperellum*, *T. brevicompactum*, *T. virens*, *T. erinaceum*, *T. hamatum*. Виды *T. brevicompactum*, *T. erinaceum*, *T. hamatum*, *T. inhamatum* на территории Казахстана регистрируются впервые.

Библиографический список

1. Александрова А.В., Великанов Л.Л., Сидорова И.И. Ключ для определения видов рода *Trichoderma* // Микология и фитопатология. 2006. Т.40. Вып.6. С.3-10.
2. Chow, T.Y.K., Kaffer E. A rapid method for isolation of total nucleic acids from *Aspergillus nidulus* // Fungal Genet. Newslett. 1993. V. 40. P. 25-27.
3. Samuels, G.J. *Trichoderma*: A review of biology and systematics of the genus // Mycol

Res. 1996. V. 100. P. 923-935.

4. White, T. J., T. Bruns, S. Lee, Taylor J. W. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. 1990. P. 315-322.

ПОЛИАДЕНИЛИРОВАНИЕ РНК, СИНТЕЗИРУЕМЫХ РНК-ПОЛИМЕРАЗОЙ III: ТРЕБОВАНИЕ К СТРУКТУРЕ РНК

Ю.С. Голубчикова, О.Р. Бородулина, Д.А. Крамеров

Институт молекулярной биологии им В.А. Энгельгардта РАН, Москва.

E-mail: kramarov@eimb.ru

РНК-полимераза III транскрибирует гены тРНК, 5S рРНК и некоторых других малых РНК, а также короткие мобильные генетические элементы, сокращенно обозначаемые как SINEs (Short Interspersed Elements). SINEs, или короткие ретропозоны представляют собой рассеянные по геному повторяющиеся последовательности длиной 100-500 пар нуклеотидов, которые транскрибируются РНК-полимеразой III, с образованием небольших по длине РНК. Около трети всех известных семейств коротких ретропозонов млекопитающих описаны в нашей лаборатории. Бородулиной и Крамеровым было обнаружено, что все SINEs можно разделить на два класса: T+ и T- (Borodulina, Kramarov, 2001). SINEs класса T+ в своих А-богатых хвостах содержат гексануклеотид(ы) ААТААА и терминатор транскрипции (TTTT или TCTTT). Такие последовательности отсутствуют у SINEs класса T-.

При трансфекции человеческих клеток HeLa мышинным SINE B2, относящимся к классу T+, наблюдалось образование гетерогенной по размеру РНК длиной до 500 нуклеотидов (Borodulina, Kramarov, 2008). В целом ряде опытов было показано, что такая РНК на 3'-конце содержит поли(А)-хвост, обуславливающий гетерогенность B2 РНК по длине. При замене ААТААА на ААСААА в B2 обнаруживался только первичный транскрипт B2 длиной 180 нуклеотидов, который не имел поли(А). Таким образом, на примере B2 SINE было доказано, что РНК, синтезируемая РНК-полимеразой III, способна полиаденилироваться и для этой посттранскрибационной модификации РНК необходимо наличие гексануклеотида AAUAAA на ее 3' конце (Borodulina, Kramarov, 2008). Это было весьма неожиданным открытием, так как до сих пор считалось, что синтез поли(А) происходит при наличии сигнала полиаденилирования (AAUAAA) только у молекул мРНК, которые, как известно, синтезируются РНК-полимеразой II.

В настоящей работе с помощью того же подхода были исследованы другие SINEs млекопитающих. Оказалось, что транскрипты всех SINEs класса T+ (B2, DOG, Rabbit, TAL, ERE-1, DIP, Rhin1), подвергаются AAUAAA-зависимому полиаденилированию. Очевидно, что транскрипты SINEs класса T- не способны к полиаденилированию из-за отсутствия в них